

**OBTENÇÃO DE VARIANTES GENÉTICAS DE *PENICILLIUM ECHINULATUM* (S1M29)
PARA OTIMIZAÇÃO NA SECREÇÃO DE CELULASES**

Letícia Guerra, Rafael Dai Prá da Luz, Victoria Cristina Reolon de Melo e Aldo José Pinheiro Dillon (orient.)

Universidade de Caxias do Sul; lguerra@ucs.br; ajpdillo@ucs.br

Devido aos crescentes problemas ambientais relacionados à utilização de combustíveis fósseis, bem como, a diminuição das reservas dos mesmos, a busca de fontes alternativas de energia se torna indispensável. O etanol de segunda geração é uma fonte renovável, produzida a partir de biomassa lignocelulósica, porém o maior desafio para a adoção desta tecnologia é a redução dos custos do complexo enzimático, responsável pela conversão da biomassa vegetal em açúcares fermentescíveis. Assim, a disponibilidade de linhagens de microrganismos desreprimidas e hiperprodutoras dessas enzimas se torna uma possível solução para a redução dos custos. Como método de melhoramento genético, a mutagênese vem sendo amplamente utilizada e se mostrando eficaz com ganhos na produção. Nesse trabalho, utilizou-se mutagênese com etilmetanosulfonato (EMS) para obtenção de variantes genéticas de *Penicillium echinulatum* S1M29, que foram selecionados pela produção de halos de hidrólise e o desenvolvimento de microfermentações. Em meio sólido, contendo celulose com ou sem 2-deoxiglicose como substrato, avaliou-se as colônias variantes em relação à colônia da linhagem parental, levando em consideração o tamanho e a velocidade do crescimento dos halos de hidrólise. As colônias que apresentaram halos maiores ou de crescimento mais rápido foram submetidas às microfermentações que objetivam avaliar a estabilidade e secreção de FPAses dos variantes. Os variantes selecionados foram submetidos a cultivo em estado líquido e sólido para avaliar a secreção de β -glicosidases, endoglicanases, xilanases e FPAses. Os melhores resultados foram obtidos em cultivo sólido, onde dentre as 16 linhagens avaliadas o variante A2.10.5.10 apresentou melhores índices de secreção enzimática para todas as enzimas avaliadas, sendo 9,7 U/gms para FPAses, 1200 U/gms para xilanases, 111,4 U/gms para endoglicanases e 163,2 U/gms para β -glicosidases, enquanto que a linhagem S1M29 apresentou, respectivamente, 2,11 U/gms, 502 U/gms, 67,9 U/gms, 125 U/gms. Pode-se concluir que a metodologia se apresenta eficiente para obtenção de novos variantes que estão sendo testados para a produção do complexo das celulases.